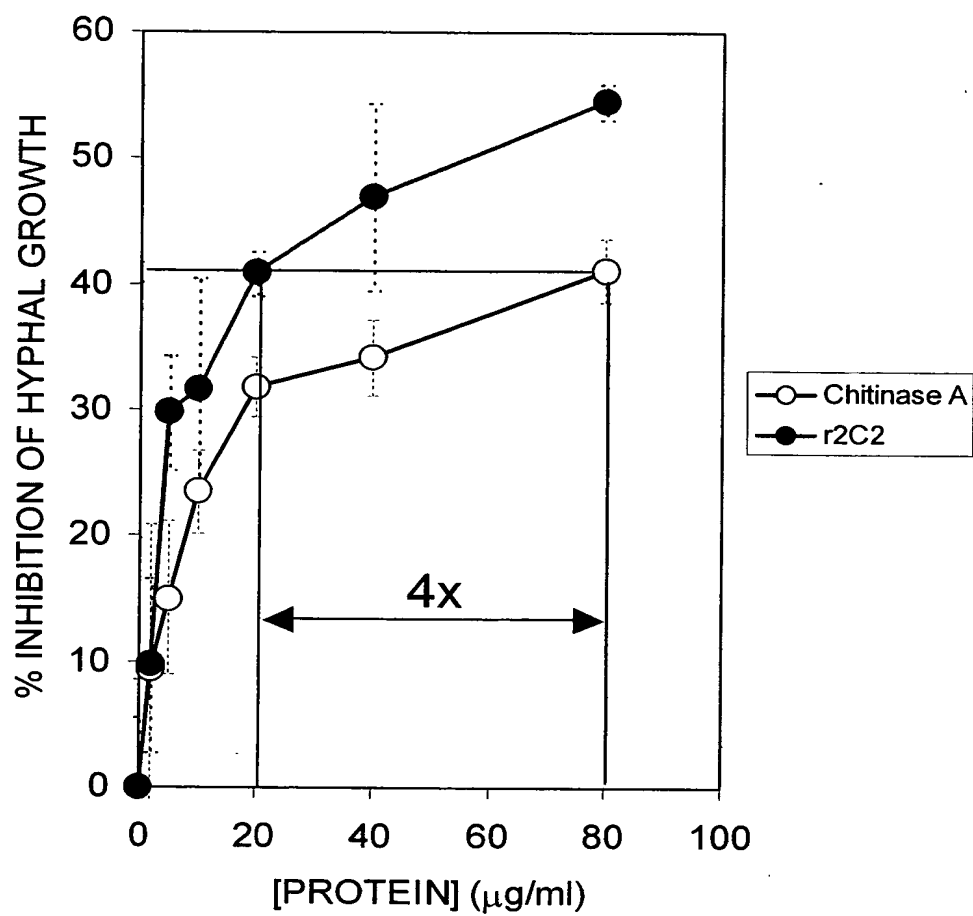


FIGURE 1

Inhibition of *Fusarium moniliforme* hyphal growth in the presence of purified chitinases



[illegible]

FIGURE 3

```

      *      20      *      40      *      60      *      80      *      100
ChitinaseA : --QNCGCCPHFCCSRFCYCTTDAYCCDGCQSCPCRSQCGCGCGCGCGCGCGCGANVANVVTDAFFNCIKQACSGCCKGNFYTRSAFLSAVNAYPGFAHGCTEVE : 104
r1B6       : SH.....E.....S.....K.....SQ.Q. : 106
r1B10      : SH...ASGL..R.....SS.....S..CS.....S.....K.....S... : 98
r1D4       : SH.....V.....E.....S..CS.....S.....K.....S... : 106
r2A2       : ST...ASGL..R.....SS.....S..CS.....S.....K.....S... : 98
r2C2       : SH.....V.....E.....E..IA.....S..... : 106
r2E1       : SH...ASGL..R.....SS.....S..CS.....S.....K.....S... : 98
r2H2       : SH.....V.....E.....S..CS.....S.....K.....S... : 106

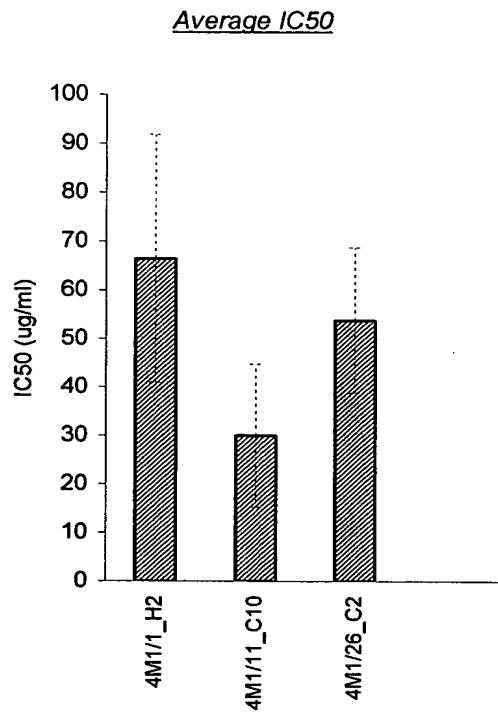
      *      120     *      140     *      160     *      180     *      200     *
ChitinaseA : GKREIAAFFAHVTHETCHFCYISBINK-SNATCDASHRQWPCAAGQKYRGCP LQISWNYNYCPACRDIQFNGLADPHRVAQDAVIAPKIALWFFHNNVHRVHPQC : 209
r1B6       : .....A.....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....7.....A..D..G..G..R..V..A.....S..C... : 212
r1B10      : .....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....A..D..G..G..R..V..A.....K..H..QL... : 204
r1D4       : .....A.....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....SL..D..G..DA..RS..L..RS..Y.....C..V... : 210
r2A2       : .....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....A..D..G..G..R..V..A.....K..H..QL... : 204
r2C2       : R.....A.....V.....PTK.....A..D..G..G..R..V..A..... : 210
r2E1       : .....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....A..D..G..G..R..V..A.....K..I..QL... : 204
r2H2       : .....N..DCP..KN...RN..T...Q..RG.....A..D..G..G..R..V..A.....K..H..QL... : 212

      220      *      240      *
ChitinaseA : YGATIRAINCALECNENPAOMHARVGYTKQYCCQLQVDPGCPNLTC : 255
r1B6       : .....R..R..G..H... : 258
r1B10      : .....R..R..G..H... : 250
r1D4       : .....R..R..G..H... : 256
r2A2       : .....R..R..G..H... : 250
r2C2       : .....R..R..G..H... : 256
r2E1       : .....R..R..G..H... : 250
r2H2       : .....R..R..G..H... : 258

```

**FIGURE 4**

**A**



**B**

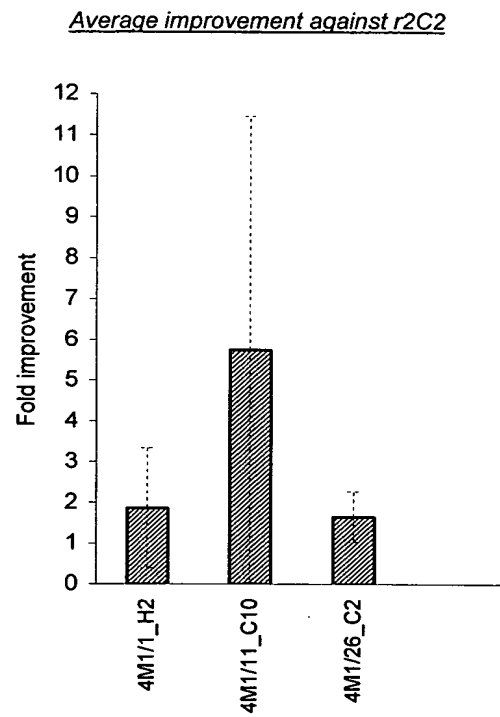


FIGURE 5

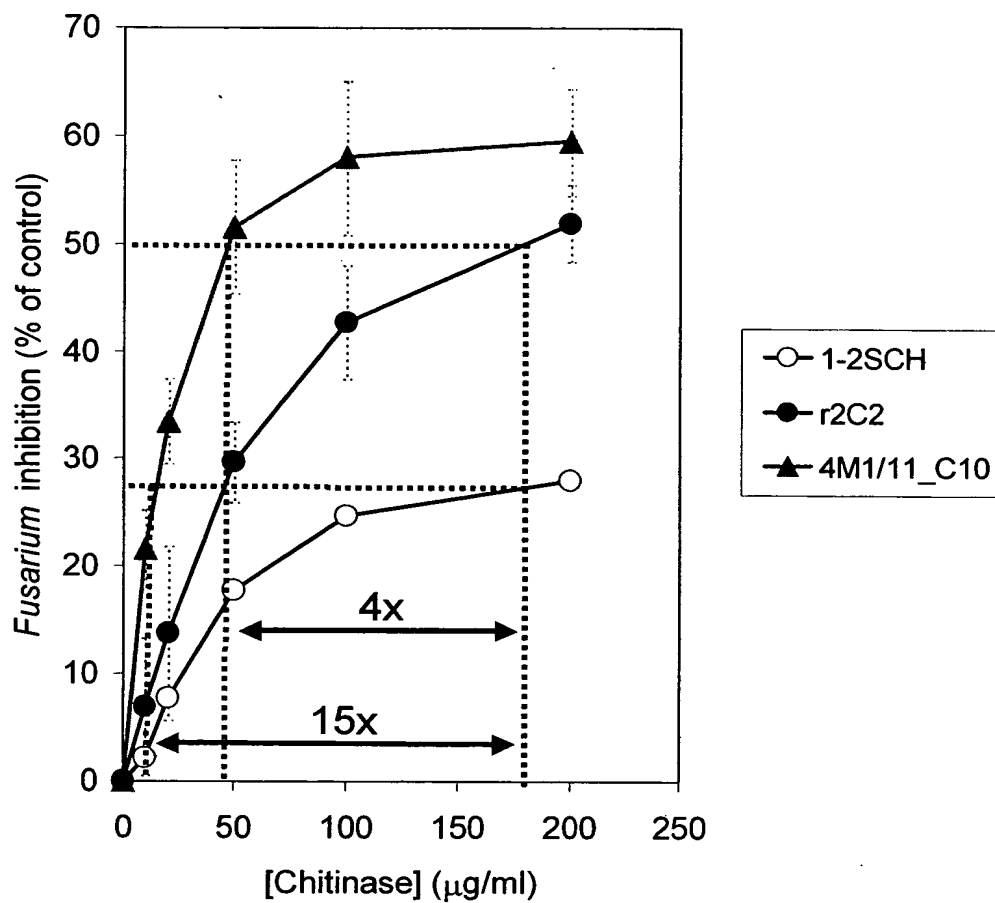


FIGURE 6

	20	40	60	80		
4H1/1_H2	TCGATGCAGAACTGCGGCTGCCAGCCAAACGTATGCTGCAGCAAGTTTGGCTACTGCGGGCACCAGCCAGTACTGCGGGCAGCGGCTGCC					91
4H1/11_C10	.....G...GC.T.GGC.C.C.....CG...C..C.....					91
4H1/26_C2	.....G...GC.T.GGC.C.C.....CG...C..C.....G...GC...C..C.....C.....					91
	100	120	140	160	180	
4H1/1_H2	ACTCGGGCCCGTCCCGCTCGGGCGCGCGCGCAGCAGTGCCTCGGGCGCGCGCGCAGCGCGCGCAGGCAGTGGCGGTCCGAACGTGCCTAATGTGGT					182
4H1/11_C10	.....A..A.T.....T.....GC..C..					161
4H1/26_C2	.....					173
	200	220	240	260		
4H1/1_H2	CACCAGCCCGTTCCTTCAACCGCATCAAGAACCCAGCGCGCGGAGCTGGTGCAGGGCAAGAACTTCTACACCCGGACCGCTTCCTGAGCGCC					273
4H1/11_C10	.....G.T.C.....G.....G.....					252
4H1/26_C2	.....G.....					264
	280	300	320	340	360	
4H1/1_H2	GTCAAGCCGTACCCAGGCTTCGCCCATGGCGGCTCGCAGGTGCAGGGCAAGCGCGAGATCGCCGCCCTTCTTCGCCCATGTCACGCACGAGA					364
4H1/11_C10	.....C.C.....					343
4H1/26_C2	.....G.....C..CG...CG..C.....T.....					355
	380	400	420	440		
4H1/1_H2	CCGGGCATTGTGCTACATCAACGAGGTCAACAGAGCAACGCCCTACTCGGACCCGACCAAGAGCGCAGTGGCCGTGCGCCGCGGGGCAGAA					455
4H1/11_C10	.....C.....G...A.....C.....					434
4H1/26_C2	.....C.....A.....					446
	460	480	500	520	540	
4H1/1_H2	GTACTACCGCGCGCGCCCGCTGCAGATCTCGTGCAACTACAACTACGGCCCGCGCGCGCAGGCCATCGGCTTCGACGGCTGCGGACACCCG					546
4H1/11_C10	.....C..G...C.....					525
4H1/26_C2	.....C.....C.....					537
	560	580	600	620		
4H1/1_H2	GACAGACTCGCGCAGGACCCCGTCTTCTCGTTCAAGTCGGCGCTCTGGTTCTCGATCAACAACGTCCACCGTGTGATGCCGCAGGGCTTCG					637
4H1/11_C10	G..CG...G..G...G..G...C.....					616
4H1/26_C2	.....G.....					628
	640	660	680	700	720	
4H1/1_H2	GCGCCACCATCAGGGCCATCAACGGCGCCCTCCAGTCCGGCGCGGAACAACCCCGCCAGATGAACCGCGCGGTGCGGCTACTACAGGCAGTA					728
4H1/11_C10	.....G.....AA.....					707
4H1/26_C2	.....AA.....					719
	740	760				
4H1/1_H2	CTGCGCCCGAGCTCGGCGTCGACCCGGCGCAACAACCTCACCTGC					771
4H1/11_C10	..AC...C.....A..GCC					750
4H1/26_C2	.....					762

```

      2      *      20      *      40      *      60      *
4H1/1_H2 : SHQNCGCCPNVCCSKFGYCGTTDEYCGDGCQSGPCRSGCGCGSSGGCGCGCGSGGCANVANVVTDAFFNGIK : 70
4H1/11_C10 : .....ASG.....SS----S..GS..... : 63
4H1/26_C2 : .....ASC.....GED..A..... : 67

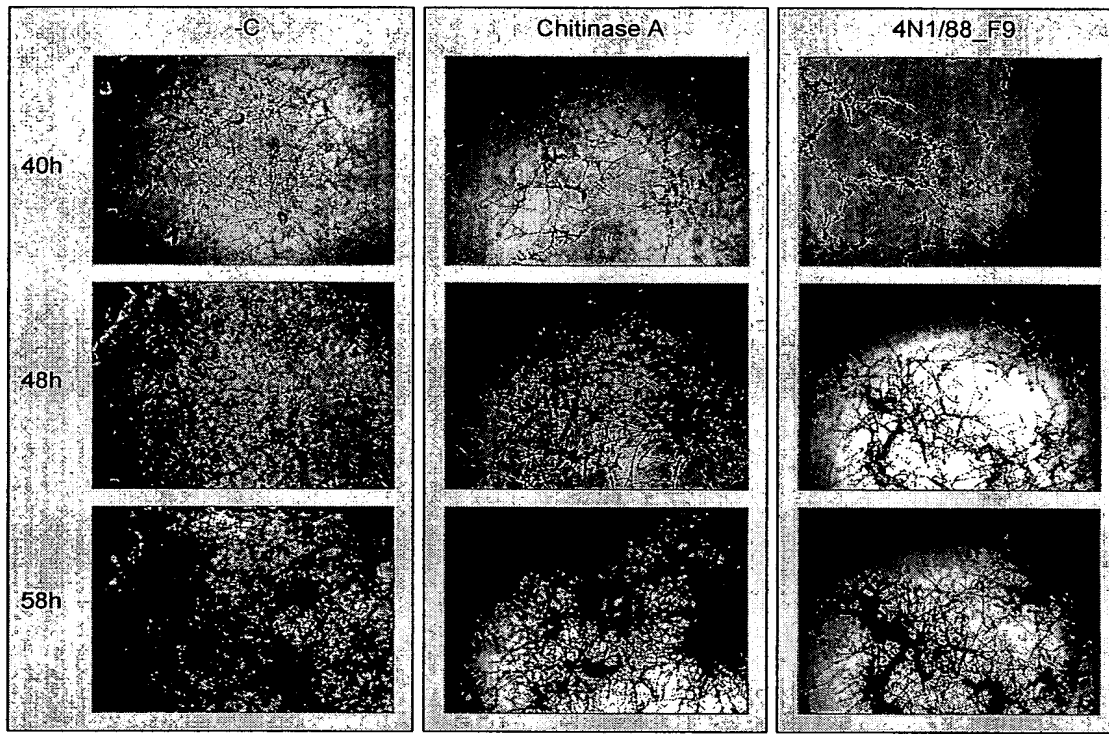
      80      *      100      *      120      *      140
4H1/1_H2 : NQAGSWCEGKNFYTRSAFLSAVKAYPCGFAHGCSQVQCKREIAAFFAHVTHETGHLCTYINEVNKSNAYCDP : 140
4H1/11_C10 : S...G.....A.....F...S..... : 133
4H1/26_C2 : .....G.....R.....F...S..... : 137

      160      *      180      *      200      *
4H1/1_H2 : TKRQWPCAACQKYYCGRPLQISUNYNYCPACRAICFDGLGDPDLRAQDPVLSFKSALWFMHNNVHRVMPQ : 210
4H1/11_C10 : .....G...R.A..A.A..... : 203
4H1/26_C2 : .....A..... : 207

      220      *      240      *
4H1/1_H2 : GFGATIRAINCALECCGNNPAQMNNARVGYYRQYCRQLGVDPCNNLTC : 257
4H1/11_C10 : .....N.....Q..R...P..... : 250
4H1/26_C2 : .....N..... : 254

```

**FIGURE 8**



**FIGURE 9**

Average of estimated IC50 values

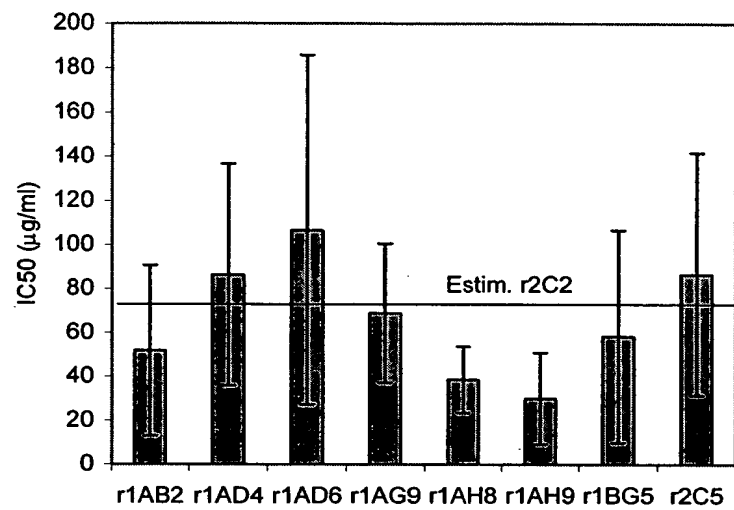
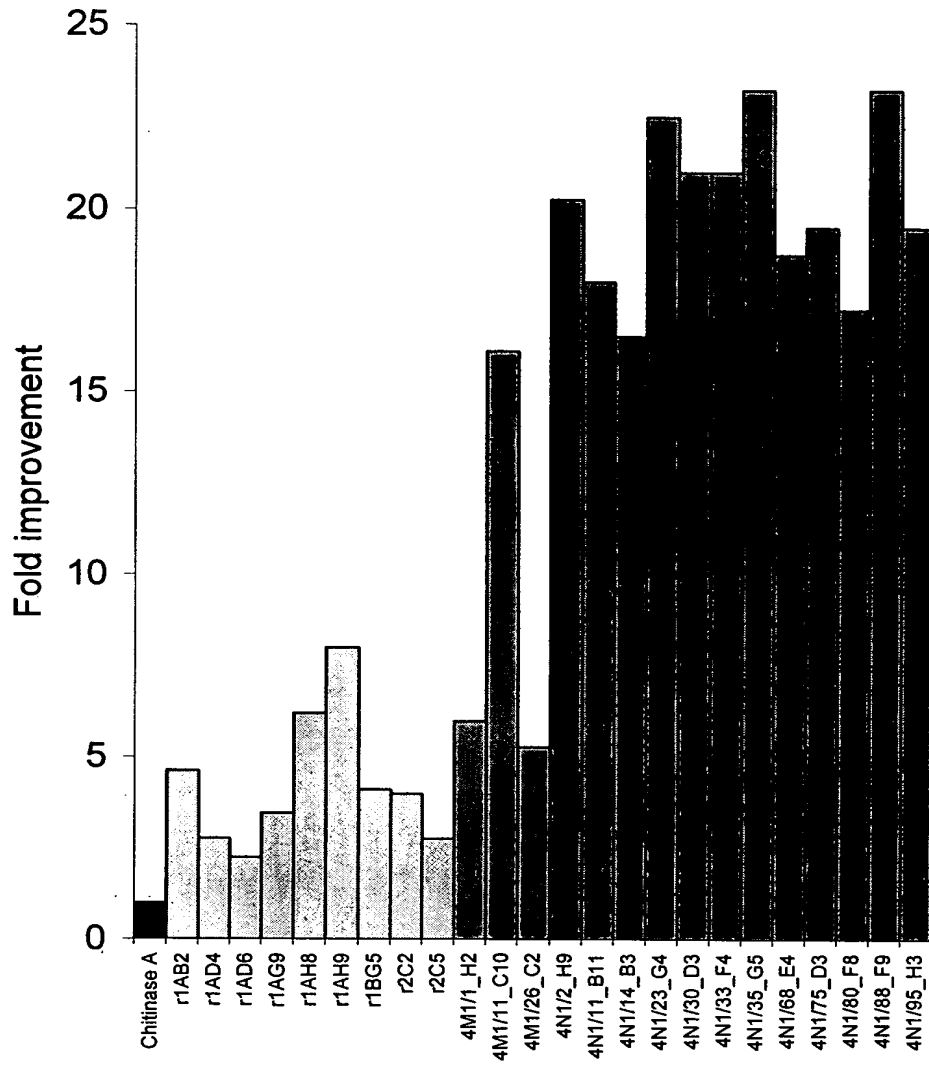


FIGURE 10



		20		40		60		80	
r1AB2	:	TCCATGCAGAACTGCGGCTGCCAGCCAAACTTCTGCTGCAGCAAGTTCGGCTACTGCGGCACGACCGCCTACTGCGGCACGCGGTGCC	:		:		:		: 91
r1AD4	:			G. A.		T.		AC.	: 91
r1AD6	:					T.		AG.	: 91
r1AG9	:			G. A.		T.		AG.	: 91
r1AH8	:							AG.	: 91
r1AH9	:			G. A.		T.		AG.	: 91
r1BG5	:			G. A.				AC.	: 91
r2C5	:			G. CC. T. GGG. A. G.		CG.		AG.	: 91
4N1/95_H3	:			G. A.		T.		AC.	: 91
4N1/80_F8	:			G. A.		CG.		AG.	: 91
4N1/75_D3	:			G. A.				AG.	: 91
4N1/2_H9	:			G. A.		T.		AC.	: 91
4N1/23_G4	:			G. A.		T.		AG.	: 91
4N1/68_E4	:			G. A.		T.		AG.	: 91
4N1/88_F9	:			G. A.		T.		AG.	: 91
4N1/14_B3	:			T.		G. A.		AG.	: 91
4N1/33_F4	:					T.		AG.	: 91
4N1/11_B11	:			G. A.				AG.	: 91
4N1/30_D3	:							AG.	: 91
4N1/35_G5	:			G. A.		T.		AG.	: 91
		100		120		140		160	
r1AB2	:	AGTCGGCGCCGCTGCCGCTCGCGCGCGCGCGCGCAGCAGTTCGCGCGCGGT	:		:		:	GCTCCGAACCTGGCTAG	: 155
r1AD4	:			T. G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 176
r1AD6	:								: 155
r1AG9	:			T. G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 176
r1AH8	:							T.	: 155
r1AH9	:			C. G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 176
r1BG5	:			A. T.		GGCGCGCGCAGCGCGGAGGCACTGCC			: 182
r2C5	:			G. G. C.		AGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 173
4N1/95_H3	:					GGT			: 155
4N1/80_F8	:			T. G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 176
4N1/75_D3	:			G. G. C.		AGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 173
4N1/2_H9	:					GGT		T. C.	: 155
4N1/23_G4	:								: 155
4N1/68_E4	:			A.					: 155
4N1/88_F9	:			A. T. G. G.					: 155
4N1/14_B3	:								: 155
4N1/33_F4	:			T. G. G.		AGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 173
4N1/11_B11	:			C. T. G. C.		AGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 173
4N1/30_D3	:			G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCC	: 176
4N1/35_G5	:			C. T. T. G. G. C.		CGGAGCGCGC		CGAGGCACTGCT	: 176
		200		220		240		260	
r1AB2	:	CGTCGTCACCGCGCTCCTTCTTCAACGCCATCAAGAGCCAGCGCGGAGCGCGTCCGAGCGCAAGAACTTCTACACCCCGAGCGCGCTTCCTC	:		:		:		: 246
r1AD4	:	T. G.		A. G. G.		A.			: 267
r1AD6	:					A.			: 246
r1AG9	:	T. G.		A. G. G.		A.			: 267
r1AH8	:			A.					: 246
r1AH9	:	T. G.		A. G. G.		A.			: 267
r1BG5	:	T. G.				A.			: 273
r2C5	:			G.		A.			: 264
4N1/95_H3	:	T. G.		A. C. C.		A.			: 246
4N1/80_F8	:	T. G.		A. C. C.		A.			: 267
4N1/75_D3	:					A.			: 264
4N1/2_H9	:	A. G.				A.			: 246
4N1/23_G4	:					A.			: 246
4N1/68_E4	:					A.			: 246
4N1/88_F9	:					A.			: 246
4N1/14_B3	:					A.			: 246
4N1/33_F4	:	T. G.		A. G. G.		A			

	280	*	300	*	320	*	340	*	360	
r1AB2	: AGCGCCGCTCAAGCGCTACCCAGGCTTCGCCCATGGCGGCTCCGAGGTCGACGCCAAGCGCGGAGATTGCCGCCCTTCTTCGGCGCATGTCACGC	:	337							
r1AD4	: GAG...A.GCC.....C.....C.....	:	358							
r1AD6	: .....	:	337							
r1AC9	: GAG...A.GCC.....C.....	:	358							
r1AH8	: .....	:	337							
r1AH9	: .....	:	358							
r1BC5	: .....	:	364							
r2C5	: .....	:	355							
4N1/95_H3	: .....	:	337							
4N1/80_F8	: .....	:	358							
4N1/75_D3	: .....	:	355							
4N1/2_H9	: .....	:	337							
4N1/23_C4	: .....	:	337							
4N1/68_E4	: .....	:	337							
4N1/88_F9	: .....	:	337							
4N1/14_B3	: .....	:	337							
4N1/33_F4	: .....	:	355							
4N1/11_B11	: .....	:	355							
4N1/30_D3	: .....	:	358							
4N1/35_C5	: .....	:	358							

	380	*	400	*	420	*	440	*	
r1AB2	: ACCGACCCCGGCATTTCGCTACATCAGCGAGATCAACAAGAGCAACGCCCTACTGCGACCCGACCAAGAGGCAGTGGCCGTCCGCCCGCGG	:	428						
r1AD4	: .....	:	449						
r1AD6	: T.....	:	428						
r1AC9	: .....	:	449						
r1AH8	: .....	:	428						
r1AH9	: .....	:	449						
r1BC5	: .....	:	455						
r2C5	: .....	:	446						
4N1/95_H3	: .....	:	428						
4N1/80_F8	: .....	:	449						
4N1/75_D3	: .....	:	446						
4N1/2_H9	: T.....	:	428						
4N1/23_C4	: .....	:	428						
4N1/68_E4	: T.....	:	428						
4N1/88_F9	: .....	:	428						
4N1/14_B3	: .....	:	428						
4N1/33_F4	: .....	:	446						
4N1/11_B11	: .....	:	446						
4N1/30_D3	: .....	:	449						
4N1/35_C5	: .....	:	449						

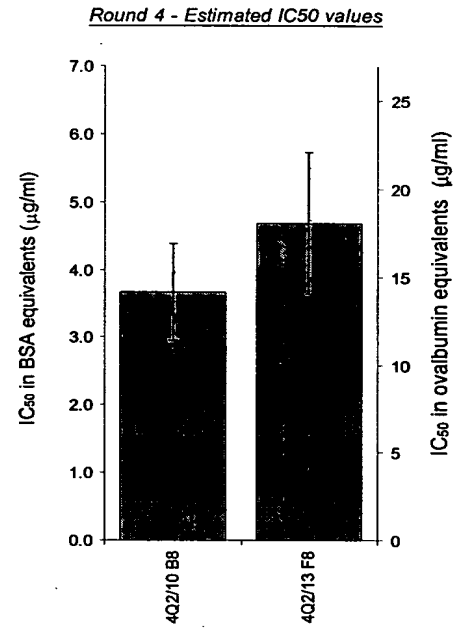
	460	*	480	*	500	*	520	*	540	
r1AB2	: GCAGAACTACTACGGCGCGCGCGCGCTGCAGATCTCGTGGAACTACAACCTACCGCCCGCGCGGAGGGCCATCGCCCTTCGACGGGCTCCGG	:	519							
r1AD4	: .....	:	540							
r1AD6	: .....	:	519							
r1AC9	: .....	:	540							
r1AH8	: .....	:	519							
r1AH9	: .....	:	540							
r1BC5	: .....	:	546							
r2C5	: .....	:	537							
4N1/95_H3	: .....	:	519							
4N1/80_F8	: .....	:	540							
4N1/75_D3	: .....	:	537							
4N1/2_H9	: .....	:	519							
4N1/23_C4	: .....	:	519							
4N1/68_E4	: .....	:	519							
4N1/88_F9	: .....	:	519							
4N1/14_B3	: .....	:	519							
4N1/33_F4	: .....	:	537							
4N1/11_B11	: .....	:	537							
4N1/30_D3	: .....	:	540							
4N1/35_C5	: .....	:	540							

	* 740 *	* 760 *	
r1AB2	GCAGTTCGCCAGGATTCGGCCCTCGACCCAGGGCCCAACCTTACTTGC		750
r1AD4	A	GCC GC	C
r1AD6			C
r1AC9	A	GCC GC	C
r1AH8	A	C GC C	C
r1AH9	A	GCC GC	C
r1BG5	A	GC GC	C
r2C5	A	C GC C	C
		C CAA	C
4N1/95_H3	A	GCC GC	C
4N1/80_F8	A	GCC GC	C
4N1/75_D3	A	GCC GC	C
4N1/2_H9	A	CC GC	C
4N1/23_G4	A	GCC GC	C
4N1/68_E4	A	GCC GC	C
4N1/88_F9	A	GCC GC	C
4N1/14_B3	A	GCC GC	C
4N1/33_F4	A	GCC GC	C
4N1/11_B11	A	GCC GC	C
4N1/30_D3	A	GCC GC	C
4N1/35_G5	A	GCC GC	C

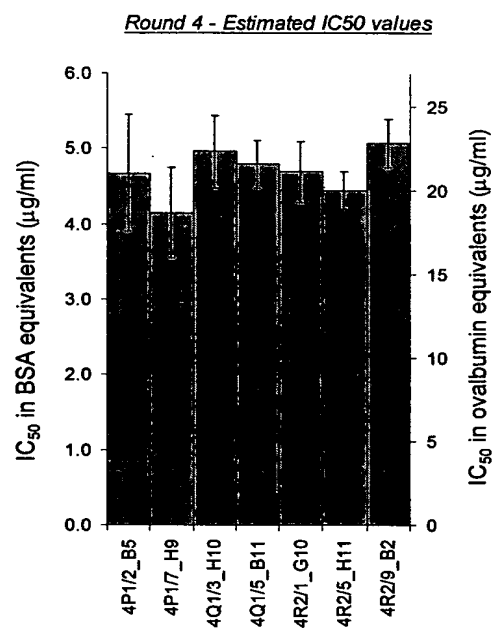
**FIGURE 12**

	* 200 *	* 220 *	* 240 *	
r1AB2	DPCRVARDVAVFRAALUFWNNVHVRVHPQCFGATIRAINCALECDGRNPNSVNNRVATYKQFCQDFGVDPGPHLIC			250
r1AD4			G.N.AQ.A.C.	RQL
r1AD6	Q.P.	S.C.	N.AQ.A.C.	250
r1AG9			C.N.AQ.A.C.	RQL
r1AH8			N.AQ.A.C.	QLR.
r1AH9	N.Q.	S.C.	N.AQ.A.C.	RQL
r1BG5	Q.	S.	G.N.AQ.A.C.	HQL
r2C5		S.C.	N.AQ.A.C.	QLR.
4N1/95_H3			C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/80_F8	N.	S.C.	N.AQ.A.C.	RQL
4N1/75_D3			C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/2_H9		S.C.A.	C.N.AQ.A.C.	HQL
4N1/23_G4			C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/68_F4	N.Q.	S.	C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/88_F9	N.Q.		C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/14_B3				RQL
4N1/33_F4			N.AQ.A.C.	RQL
4N1/11_B11			N.AQ.A.C.	RQL
4N1/30_D3	N.P.		K.C.N.AQ.A.C.	RQL
4N1/35_G5	N.Q.		C.N.AQ.A.C.	RQL

**FIGURE 13**



**FIGURE 14**



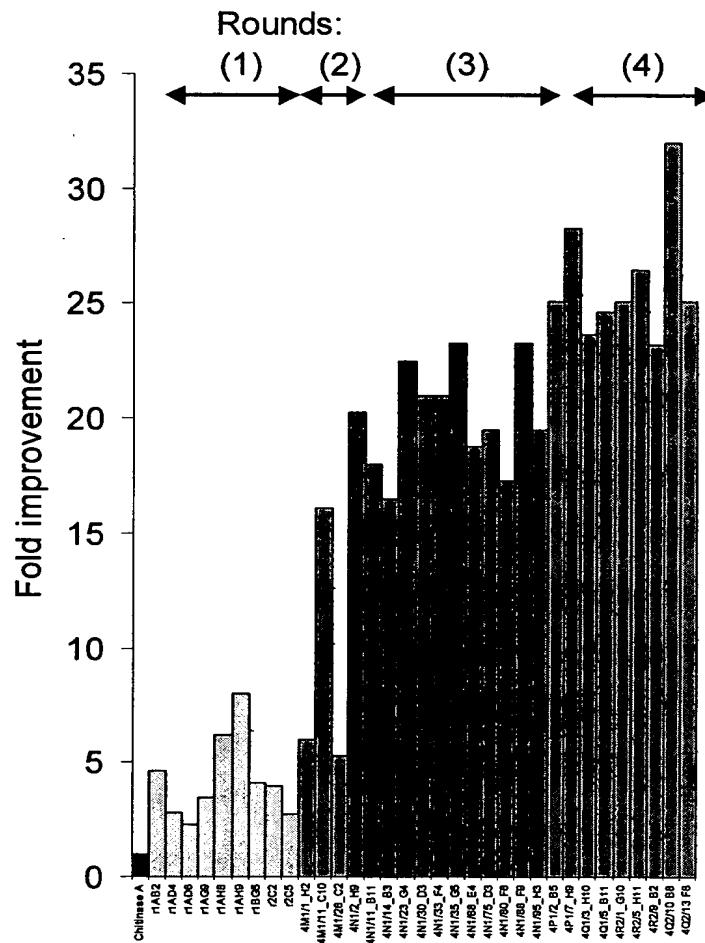


FIGURE 16

```

      *      20      *      40      *      60      *      80      *
4Q2/10_B8 : TCGATGCAGAACTGCGGCTGCCAGCCAAACGTATGCTGCAGCAAGTTTGGCTACTGCCGCACAACCCAGCAGTACTGCCGGGACGGGTGCC : 91
4Q2/13_F8 : .....C.....C..... : 91

      100      *      120      *      140      *      160      *      180
4Q2/10_B8 : AGTCGGGCCCCGTGCCGCCCGGGTGGCGGTGGCGCGCGCGCGCGCGGAGGCGCGGAGGCAGTGGCGCGCGTGGTGTGAACCTGCCAC : 182
4Q2/13_F8 : .....A.T.....A.C..... : 155

      *      200      *      220      *      240      *      260      *
4Q2/10_B8 : CATCGTGACCGGCTCTTCTTCAACGGCATCAAGAACCAGCGCGGGAGCGGGTGCAGCGGCAAGAACTTCTACACCCGAGCGGCTCCTG : 273
4Q2/13_F8 : ..... : 246

      280      *      300      *      320      *      340      *      360
4Q2/10_B8 : ACCCGCGTCAAGCGGTACCGGCTTCGCCCATGCCGGGTACAGGTGCAGGGCAAGCGCGAGATCGCCCGCTTCTTCGGCGCATGTCACGC : 364
4Q2/13_F8 : .....A.GG.....G.....T.....C.C..... : 337

      *      380      *      400      *      420      *      440      *
4Q2/10_B8 : ATGAGACCGGGCATTCTGCTACATCAGCGGAGATCAGCAAGAGCAACGCCCTACTGCCACCCGACCAAGAGGCAGTGGCGGTGCCCGCGCGG : 455
4Q2/13_F8 : .C..... : 428

      460      *      480      *      500      *      520      *      540
4Q2/10_B8 : GCAGAACTACTACGGGCGCGCGCGGCTCCAGATCTCGTGGAATACAACTACGGCGCGCGGGAGGGCCATCGGCTTCGACGGGCTCGGG : 546
4Q2/13_F8 : .....A..... : 519

      *      560      *      580      *      600      *      620      *
4Q2/10_B8 : GACCCCAACAGGGTGGCGCGGACCCCGTGGTGGCGTTCAAGCGCGCGCTCTGGTTCTGGATGAACACCGTGCACGGGGTGGTGGCGCAGG : 637
4Q2/13_F8 : .....C.....C.....C.T.A..... : 610

      640      *      660      *      680      *      700      *      720
4Q2/10_B8 : GGTTCGGCGCCACCAAGGGCCATCAACGGCGCCCTCGAGTGCAACGGGAACAACCCGCGCCAGATGAACCGCGCGCTCGGCTACTACAG : 728
4Q2/13_F8 : .C.....T.....CG.....A.....A..... : 701

      *      740      *      760      *      780      *      800      *
4Q2/10_B8 : GCAGTACTGCCCGCAGCTCGGCGTGCACCCAGCGCCCAACCTCACTTGCTCTAGAGGTGGAAGTCATCATCATCATCATCATCATTTGA : 819
4Q2/13_F8 : ..... : 792
```

```

*          20          *          40          *          60
402/10_B8 : SMQNCGCQPNVCCSKFGYCGTTDEYCGDGCQSGPCRPGGGGGGGGGGGGGGGGGGGVNASIVTGSFFN : 69
402/13_F8 : .....HS-----S----- : 60

*          80          *          100          *          120          *          1
402/10_B8 : GIKNQAGSGCGKNFYTRSAFLSAVKAYPCGFAHCGSQVQCKREIAAFFAHVTHETGHCYISEISKNA : 138
402/13_F8 : .....TE.E.....A..... : 129

40          *          160          *          180          *          200
402/10_B8 : YCDPTKRQWPCAACQKYYGCGPLQISWNYNYCPAGRAICFDGLGDPNVRARDPVLAFAKALWFUMNSVH : 207
402/13_F8 : .....A.V..... : 198

*          220          *          240          *          260          *
402/10_B8 : GVVPQGFCAATTRAINCALECNCNPAQMNRVCYYRQYCRQLGVDPCPNLTCSRCCSHHHHHHHH : 272
402/13_F8 : R.H.....I.....C.....I.....K..... : 263

```

[illegible]

**FIGURE 18B**

	640	*	660	*	680	*	700	*	720	
4P1/2_B5 :	GCGCCACCATCAGGCCCATCAACGGCGCGCTCGAGTGGGACGGGAACAACCCCGCCAGATGAACGGCGCGCTCGGCTACTACAAGCAGTA									: 719
4P1/7_H9 :	.....A.....									: 707
4Q1/3_H10 :	.....A.....									: 728
4R2/5_H11 :	T.....C.....C.....G.....								: 707	
4R2/1_G10 :	.....A.....									: 704
4Q1/5_B11 :	.....C.....									: 725
4R2/9_B2 :	.....C.....G.....G.....									: 725

	*	740	*	760	*	780	*	800	*	
4P1/2_B5 :	CTGCCCCCAGCTCGGCGTCGACCCAGGCCCCAACCTCAGTTGCTCTAGAGCTGCAACTCATCATCATCATCATCATCATTTCA									: 804
4P1/7_H9 :	.....									: 792
4Q1/3_H10 :	.....									: 813
4R2/5_H11 :	.....									: 792
4R2/1_G10 :	.....									: 789
4Q1/5_B11 :	.....									: 810
4R2/9_B2 :	.....									: 810

**FIGURE 19**

	*          20             *	40	*          60             *	
4P1/2_B5 :	SMQNCGCQPNVCCSKFCYCGTTDEYCGDGCQSGPCRS	GGGGGGGGGGGGG---	SGCANVASVVTGSFFNG :	65
4R2/1_G10 :	.....A.....H.....S.....	-----	D.....	: 60
4R2/9_B2 :	.....P.....	CG-	.....	: 67
4P1/7_H9 :	.....SS.....	-----	.....	: 61
4R2/5_H11 :	.....H.....SS.....	-----	N...DA.....	: 61
4Q1/3_H10 :	.....GGC.....	N...DA.....	:	: 68
4Q1/5_B11 :	.....P.....CG-	.....D.....	:	: 67

	*	80	*	100	*	120	*
4P1/2_B5	:	IKNQAGSGCCEKKNFYTRSAFLSAVKAYPGFAHGGSQVQCKREIAAFFAHATHETGHPFCYISEINKSNA	:				133
4R2/1_G10	:	S	:		V	:	128
4R2/9_B2	:	S	:		V	:	135
4P1/7_H9	:		:			S	129
4R2/5_H11	:		:				129
4Q1/3_H10	:	S	:				136
4Q1/5_B11	:	S	:		V	N	135

	140	*	160	*	180	*	200				
4P1/2_B5	YCDPTKRQWP	CAAGQKYY	GRG	PLQISW	NYNYG	PACRAIG	FDGLG	DPNRVAQD	AVVAFKAAL	WFWMNV	201
4R2/1_C10						A					196
4R2/9_B2						A					203
4P1/7_H9					D		C	R			197
4R2/5_H11							C	R			197
4Q1/3_H10							C	R			204
4Q1/5_B11							C	R			203

	*	220	*	240	*	260	*
4P1/2_B5	-	HRVHPQCFGATIRAINCAL	ECDGNNPAQMN	RVGYKQYCR	OLGVDPCPNL	TCSRGGSHHHHHHHH	-
4R2/1_C10	-	.....	.....	.....	.....	.....	-
4R2/9_B2	-	.....	G	.....	.....	.....	-
4P1/7_H9	-	.....	.....	.....	.....	.....	-
4R2/5_H11	-	.....	G	.....	.....	.....	-
4Q1/3_H10	-	.....	.....	.....	.....	.....	-
4Q1/5_B11	-	.....	.....	.....	.....	.....	-